

## Restitución genética de poblaciones

### Modelización de la dinámica y establecimiento de poblaciones

---

#### Introducción.

Cuando se plantea la conservación de poblaciones de una especie en peligro de extinción, antes o después se debe responder a una serie de cuestiones básicas, esenciales en todos los casos, como:

- ¿Se encuentra la población objeto de estudio realmente en declive?
- ¿Resulta la protección legal del territorio donde habita la población un instrumento suficiente para mantener su viabilidad, o es necesaria una intervención más activa?
- ¿Es posible llevar a cabo una recolección de semillas de la población para su conservación en bancos de germoplasma sin que interfiera con la dinámica poblacional?
- ¿Qué alternativas de gestión de la población ofrecen mayores garantías para facilitar su supervivencia?
- ¿Cuáles pueden ser las consecuencias sobre la población de determinados cambios ambientales ocasionados por impactos humanos?

Para contestar a estas cuestiones, y a otras muchas más que se plantean durante las actividades de gestión de recursos biológicos, resulta necesario recoger una gran cantidad de información básica sobre la biología de la especie en concreto. Esta información puede, a continuación, ser utilizada para construir modelos que nos permitan, dentro de unos límites, realizar un análisis de la viabilidad de las poblaciones.

Cuando se modelizan una o varias poblaciones, todos los datos demográficos de relevancia obtenidos en estudios previos se consideran de forma conjunta y se sintetizan en una serie de fórmulas matemáticas. El objetivo fundamental consiste en predecir el futuro de las poblaciones bajo las condiciones actuales, o bien cuando uno o varios factores se vean alterados.

#### DESARROLLO DE LA PRÁCTICA

La siguiente matriz corresponde a un modelo según la estructura de estados (o fases del ciclo vital) de la especie *Dipsacus sylvestris*, planta perenne que se encuentra principalmente en hábitats perturbados (Werner and Caswell 1977; Caswell 1989). El tiempo de transición del modelo es de un año, y los estados o fases del modelo son:

- (1) semillas durmientes – primer año (S1)
- (2) semillas durmientes – segundo año (S2)
- (3) rosetas pequeñas (R1)
- (4) rosetas medianas (R2)
- (5) rosetas grandes (R3)
- (6) plantas en floración (FP)

	S1	S2	R1	R2	R3	FP
S1	0	0	0	0	0	322.38
S2	0.966	0	0	0	0	0
R1	0.013	0.010	0.125	0	0	3.448
R2	0.007	0	0.125	0.238	0	30.170
R3	0.008	0	0	0.245	0.167	0.862
FP	0	0	0	0.023	0.750	0

Nótese que hay transiciones desde las plantas en floración a las semillas durmientes-primer año y a las tres clases de rosetas vegetativas. En este caso, estas transiciones no representan una reproducción vegetativa, sino el hecho de que las semillas producidas por las plantas en floración en un año pueden germinar para producir rosetas en el año siguiente. Esto requiere una transición desde las plantas en floración a las rosetas. (Una transición desde las plantas en floración a semillas, y de semillas a rosetas llevaría dos años en lugar de uno). A causa de esta característica del modelo, la exigencia de que la suma de las columnas sea igual o menor a 1 no se aplica. Esta matriz ha sido estimada a partir de un trabajo experimental en el que cada zona de estudio fue sembrada con 3900 semillas durante el invierno. Por tanto, la población inicial consiste en 3900 individuos (semillas durmientes) correspondientes al primer estado, y ningún individuo en el resto de estados. El experimento se mantuvo durante 5 años. Al principio se consideró este periodo el de la duración de la simulación, lo cual parece bastante apropiado ya que esta especie se encuentra con frecuencia en hábitats efímeros.

### 1. Dibujar el diagrama del ciclo vital asociado a dicha matriz

### 2. Introducir los datos y preparar el análisis con R

Hacer doble click en R.

En el "prompt" de R escribir lo siguiente:

```
dipsacus = matrix (0, 6,6)
```

Esto ha creado una matriz 6x6 rellena de ceros. A continuación escribir:

```
dipsacus = edit(dipsacus)
```

Se abre un editor. Rellenar los datos de la tabla anterior y cerrar el editor. En teoría los datos habrán quedado recogidos dentro de dipsacus. Para comprobarlo, teclear:

```
dipsacus
```

Ahora vamos a darle nombre a las fases del ciclo. Escribir:

```
fases = c("S1", "S2", "R1", "R2", "R3", "FP")
```

```
dimnames(dipsacus) = list (fases, fases)
```

```
dipsacus
```

hemos comprobado que ahora los nombres de las filas y columnas de la matriz están rotulados con su correspondiente nombre.

### 3. Algunos cálculos básicos con la matriz.

¿ Cuál es la tasa finita de crecimiento ( $\lambda$ ) de esta población? Sabemos que se corresponde con el autovector dominante derecho de la matriz, Lo podemos extraer con la función eigen:

```
eigen(dipsacus)
```

Esto nos da todos los autovalores y autovectores. Podemos almacenar estos resultados en un objeto para extraer después lo que nos interese:

```
dipsacus.r <- eigen(dipsacus)
```

Podemos acceder al interior de los objetos de R por su nombre y/o por su posición. Por ejemplo:

```
names(dipsacus.r)
dipsacus.r$values
```

el autovalor dominante es el primero, así que lo sacamos con

```
dipsacus.r$values[1]
```

como lo que queremos es el valor absoluto:

```
abs(dipsacus.r$values[1])
```

¿Qué estado tiene la abundancia mayor una vez alcanzada la distribución estable de fases? Sabemos que se corresponde con el autovector dominante derecho de la matriz. Como tenemos los autovectores en `dipsacus.r`, y el autovector dominante es el que está en la primera columna, de la matriz de vectores,

```
abs(dipsacus.r$vectors[,1])
```

pero la distribución estable se expresa como proporción, así que dividimos cada componente del autovector por su suma:

```
abs(dipsacus.r$vectors[,1])/sum(abs(dipsacus.r$vectors[,1]))
```

Como son muchos decimales, podemos redondearlo a sólo 3:

```
round(abs(dipsacus.r$vectors[,1])/sum(abs(dipsacus.r$vectors[,1])),3)
```

¿Qué estado tiene el valor reproductivo más alto? Sabemos que el valor reproductivo se corresponde con el autovector dominante *izquierdo* de la matriz. Este autovector es el mismo que el autovector dominante derecho de la matriz transpuesta, así que

```
dipsacus.l <- eigen( t(dipsacus) )
```

El valor reproductivo se expresa asignando el valor "1" a la primera fase del ciclo, así que

```
round(abs(dipsacus.l$vectors[,1])/min(abs(dipsacus.l$vectors[,1])),3)
```

¿Es la distribución inicial similar a la distribución estable? (comparar la proporción inicial [S1=100 %] con la d. estable.

¿Cuál es la tasa instantánea de crecimiento  $r$ ? (asumir que la matriz define probabilidades de transición anuales)

Calcular el número de individuos que se esperaría en la población en un año y en dos años, basándose solo en esta tasa de crecimiento y en la abundancia inicial de 3900 individuos. (asumir un modelo de crecimiento exponencial)

4. Ejecutar una simulación determinista, basada en el modelo matricial, para 5 años. ¿Cuál es el tamaño de la población en el segundo año? Comparada con la predicción anterior basada solo en la tasa de crecimiento, ¿qué diferencias se encuentran? ¿Por qué?

Para hacer una predicción de acuerdo con el modelo matricial, lo único que hay que hacer es multiplicar repetidamente el vector de estado por la matriz de transición, así que primero definimos el vector inicial:

```
v0 = c(3900, 0,0,0,0,0)
```

y después realizamos las multiplicaciones:

```
dipsacus %*% v0
```

almacenamos en vectores sucesivos cada resultado:

```
v1 = dipsacus %*% v0  
v2 = dipsacus %*% v1  
v3 = dipsacus %*% v2  
v4 = dipsacus %*% v3  
v5 = dipsacus %*% v4
```

En el segundo año tendríamos

```
v2
```

Es decir, el tamaño total de la población sería:

```
sum(v2)
```

Los mismos resultados que hemos obtenido hasta ahora los podríamos obtener de forma directa con las funciones del paquete **Rramas**. Para poder utilizarlo, Cargar el paquete Rramas.

transformar la matriz dipsacus en "matriz de transición" (formato de Rramas):

```
dipsacus = as.tmatrix(dipsacus)  
  
summary(dipsacus)  
  
plot(dipsacus)  
  
projectn(v=v0, mat=dipsacus,time=5)  
  
plot(projectn(v=v0, mat=dipsacus,time=5))  
  
summary(projectn(v=v0, mat=dipsacus,time=5))
```

5. **Ejecutar una simulación** (usando estocasticidad demográfica) con 1000 repeticiones. ¿Qué diferencias se aprecian en la proyección de la población comparado con la proyección determinista?

Para ello simplemente hacemos una simulación y la almacenamos en un objeto de R:

```
dipsacus.ed5 = projectn(v=v0, mat=dipsacus, estdem=T, time=5, nrep=1000)
plot(dipsacus.ed5)
summary(dipsacus.ed5)
```

6. **¿Cuál es la probabilidad de que esta población sobrepase los 20000 individuos** (incluyendo las semillas durmientes) en cualquier momento dentro de los próximos 5 años? **¿Cuál es la probabilidad de que la población se reduzca a 100 o menos individuos** en cualquier momento durante los próximos 5 años?

Teclear:

```
dipsacus.ex = explosion(dipsacus.ed5)

summary(dipsacus.ex)

dipsacus.de = explosion(dipsacus.ed5)

summary(dipsacus.de)
```

7. **Ahora vamos a estudiar una población de *Coryphantha robbinsorum*, pequeño cacto** de los desiertos de Arizona. Introducir las siguientes matrices (la matriz de desviaciones estándar da cuenta de la estocasticidad ambiental)

Sitio A. Matriz de transición			
	juveniles pequeños	juveniles grandes	adultos
juv. pequeños	0.67	0	0.56
juv. grandes	0.02	0.85	0
adultos	0	0.14	0.87

Desviación estándar			
	JP	JG	AD
JP	0.05	0	0.05
JG	0.05	0.05	0
AD	0	0.05	0.05

(denominar a las matrices *coryA* y *sdA*, respectivamente) Señalar como estado inicial 100 individuos juveniles pequeños y repetir todos los análisis de los puntos 2 y 3).

8. **Realiza simulaciones con estocasticidad ambiental y demográfica para 10, 20 y 100 años** y obtén las correspondientes probabilidades de extinción. Decide si la población debería ser clasificada en una de las categorías de la IUCN que se explican más abajo.

```
v0=c(100,0,0)
coryA10 = projectn(v=v0, mat=coryA, matsd= sdA, estamb=T,
                  estdem=T, time=10, nrep=1000)
coryA20 = projectn(v=v0, mat=coryA, matsd=sdA, estamb=T,
                  estdem=T, time=20, nrep=1000)
coryA100 = projectn(v=v0, mat=coryA, matsd=sdA, estamb=T,
                  estdem=T, time=100, nrep=1000)
```

9. **Evalúa alternativas de gestión.** El objetivo sería sacar a esta población de la categoría VU. Sugerencias: Evalúa el valor reproductivo y la matriz de elasticidad.

¿Cuántos individuos, y de qué tipo, habría que introducir para conseguir nuestro objetivo?

¿En qué transición merece la pena centrar los esfuerzos de gestión?

De cara a mejorar la capacidad predictiva de nuestro modelo, ¿qué parámetros demográficos deberían monitorizarse con mayor prioridad?

10. **Repite los análisis para las poblaciones de los sitios B y C.**

#### **Anexo I. Categorías IUCN:**

- **En peligro crítico - Critically endangered (CR):** el análisis cuantitativo de la probabilidad de extinción en su habitat natural es de al menos el 50% en 10 años o 3 generaciones, la que sea más larga.
- **Amenazadas - Endangered (E):** el análisis cuantitativo de la probabilidad de extinción en su habitat natural es de al menos el 20% en 20 años o 5 generaciones, la que sea más larga.
- **Vulnerable (V):** el análisis cuantitativo de la probabilidad de extinción en su habitat natural es de al menos el 10% en 100 años.

#### **Anexo II. Poblaciones de *Coryphantha robbinsorum***

Sitio B. Matriz de transición			
	juv. pequeños	juv. grandes	adultos
juv. pequeños	0.49	0	0.56
juv. grandes	0.01	0.73	0
adultos	0	0.23	0.99

Sitio C. Matriz de transición			
	juv. pequeños	juv. grandes	adultos
juv. pequeños	0.43	0	0.56
juv. grandes	0.33	0.61	0
adultos	0	0.3	0.96

#### **Más información:**

Akçakaya, 2006. Avoiding mistakes in Population Modeling. <http://www.ramas.com/mistakes.htm>

Akçakaya, Burgman, & Ginzburg, 1999. *Applied Population Ecology*. Applied Biomathematics. Capítulo 7: Population Viability Analysis.

Akçakaya, Burgman, & Ginzburg, 1999. A short introduction to population viability analysis. <http://www.ramas.com/pva.htm>

Schmalzel & al. 1995. Demographic study of the rare *Coryphantha robbinsorum* (Cactaceae) in southeastern Arizona. *Madroño* 42:332-348